

Que nous raconte l'analyse des structures génétiques sur la dispersion des champignons phytopathogènes ?

Cyril Dutech¹, Virginie Ravigné², Fabien Halkett³, Elisabeth Fournier², Jean Carlier²

¹ INRA, UMR BIOGECO Bordeaux



² CIRAD, UMR BGPI Montpellier



³ INRA, UMR IAM Nancy



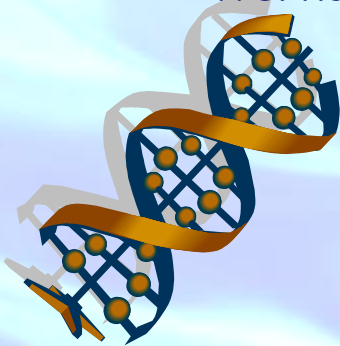
Les champignons phytopathogènes: Une grande diversité de mode et de capacité de dispersion.

- Difficultés pour appréhender les processus de dispersion par méthode directe

- Méthodes coûteuses ou laborieuses
- Problème d'identification de la source



- Alternative par des méthodes indirectes :



Organisation de la différenciation génétique entre populations
et estimation des flux de gènes

Pas de synthèse chez les champignons phytopathogènes depuis
Mc Dermott & Mc Donald 1993

Mesure de la différenciation génétique entre populations

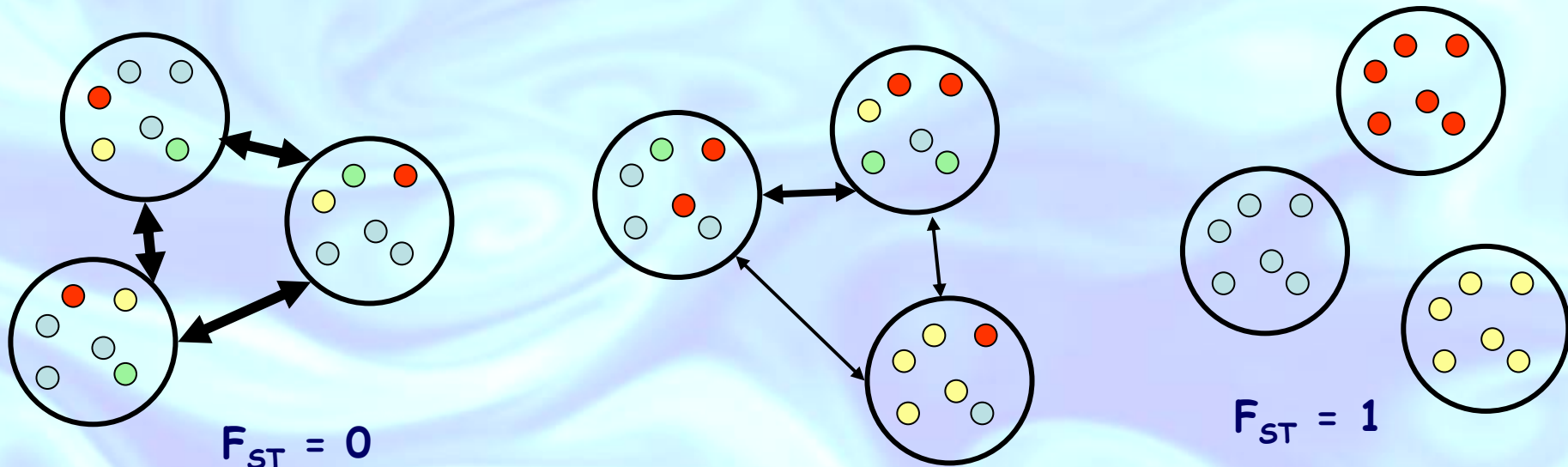
- F_{ST} (Wright 1965)

$$F_{ST} = \frac{Q_s - Q_T}{1 - Q_T}$$

Probabilité d'identité entre deux gènes échantillonnés dans le même dème

Probabilité d'identité entre deux gènes échantillonnés dans l'ensemble des dèmes

(Rousset 2004)



Différenciation génétique chez les champignons phytopathogènes

37 espèces (79 études) F_{st} : 0.21 (+/- 0.02) - Médiane : 0.13

Animaux (781 études) 0.20 (+/- 0.01) - Médiane : 0.10

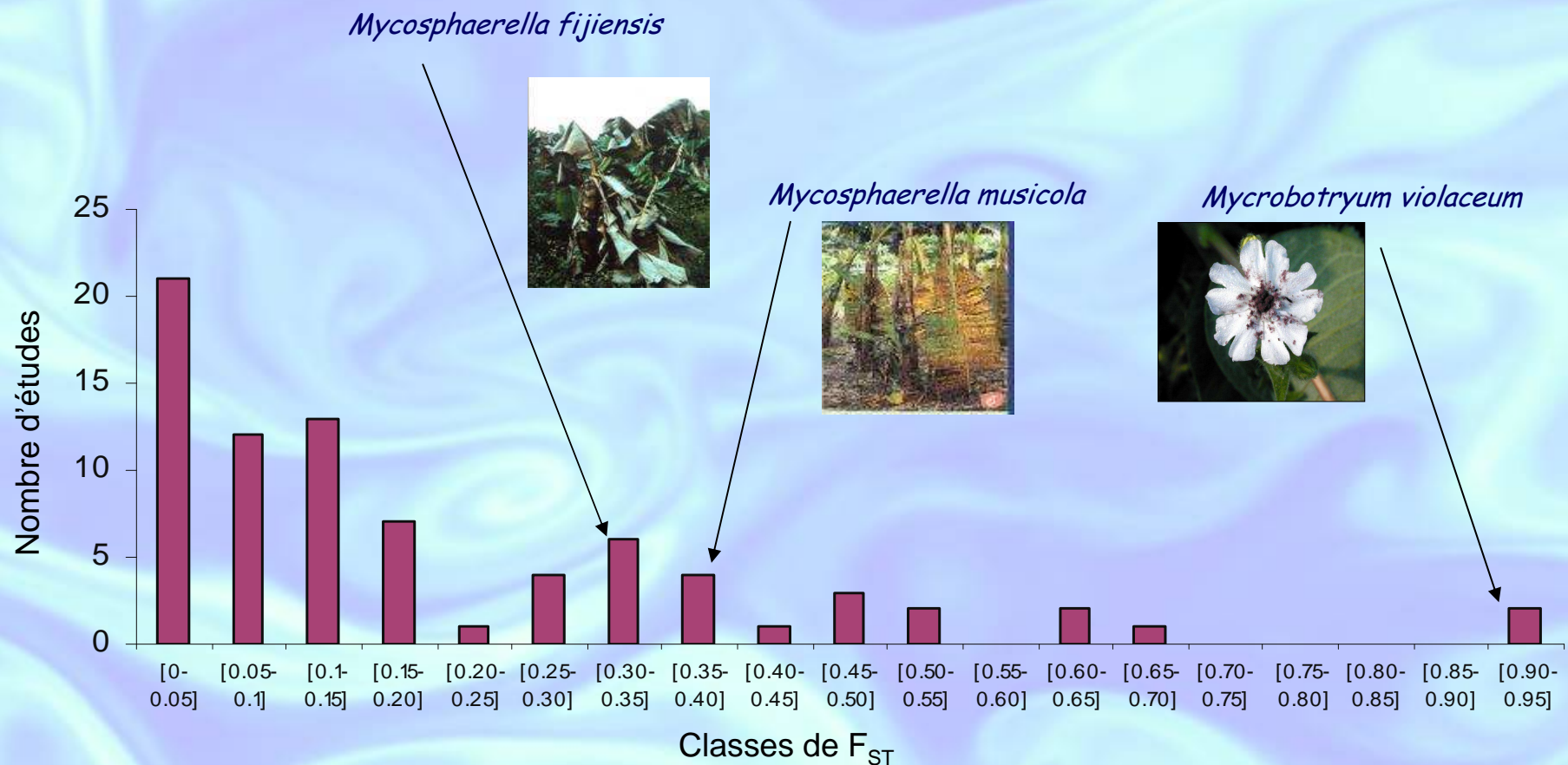
Plantes (294 études) 0.32 (+/- 0.01) - Médiane : 0.18

(Morjan & Rieseberg, 2004)

		%	F_{st}
Familles	Ascomycètes	73%	0.19 (+/- 0.02)
	Basidiomycètes	16%	0.29 (+/- 0.13)
	Oomycètes	11%	0.20 (+/- 0.10)
Types d'hôtes	Céréales	41%	0.16 (+/- 0.03)
	Cultures annuelles	18%	0.22 (+/- 0.05)
	Cultures pérennes	15%	0.14 (+/- 0.04)
	Arbres forestiers	20%	0.21 (+/- 0.06)
	Autres	6%	0.61 (+/- 0.21)

Différenciation génétique chez les champignons phytopathogènes:

Effet de différents facteurs (1)



Différenciation génétique chez les champignons phytopathogènes:

Effet de différents facteurs (2)

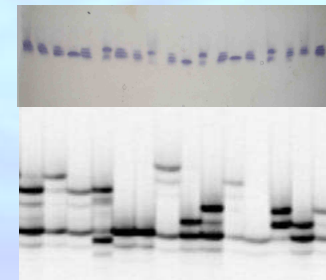
- Sous-structuration spatiale : difficulté de définir une population

Exemple : Structuration par la plante hôte
Espèces cryptiques (Fournier et al. 2007)



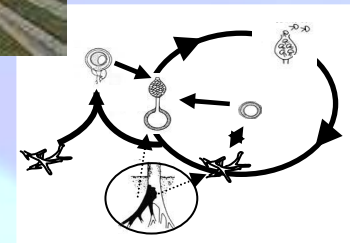
- Diversité intra-populationnelle

Effet du polymorphisme du marqueur utilisé



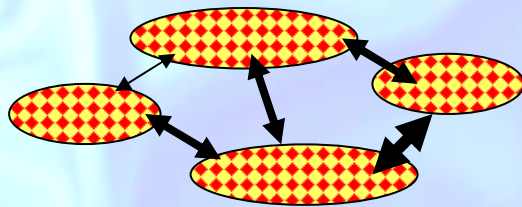
- Sélection

- Pressions de sélection fortes
- Clonalité et cycle de vie (Giraud et al. 2006)

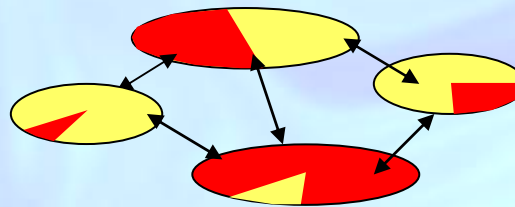


Retour à la relation F_{ST} et capacité de dispersion

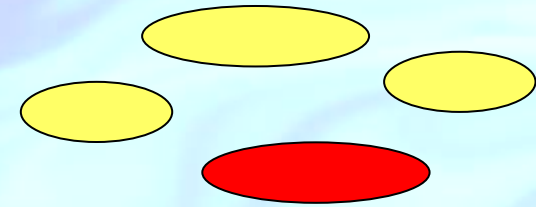
Une migration plus importante (en taux ou en distance) tend à homogénéiser les fréquences alléliques entre populations et faire diminuer le F_{ST}



Flux de gènes importants
 F_{ST} faible



Flux de gènes faibles
 F_{ST} intermédiaire



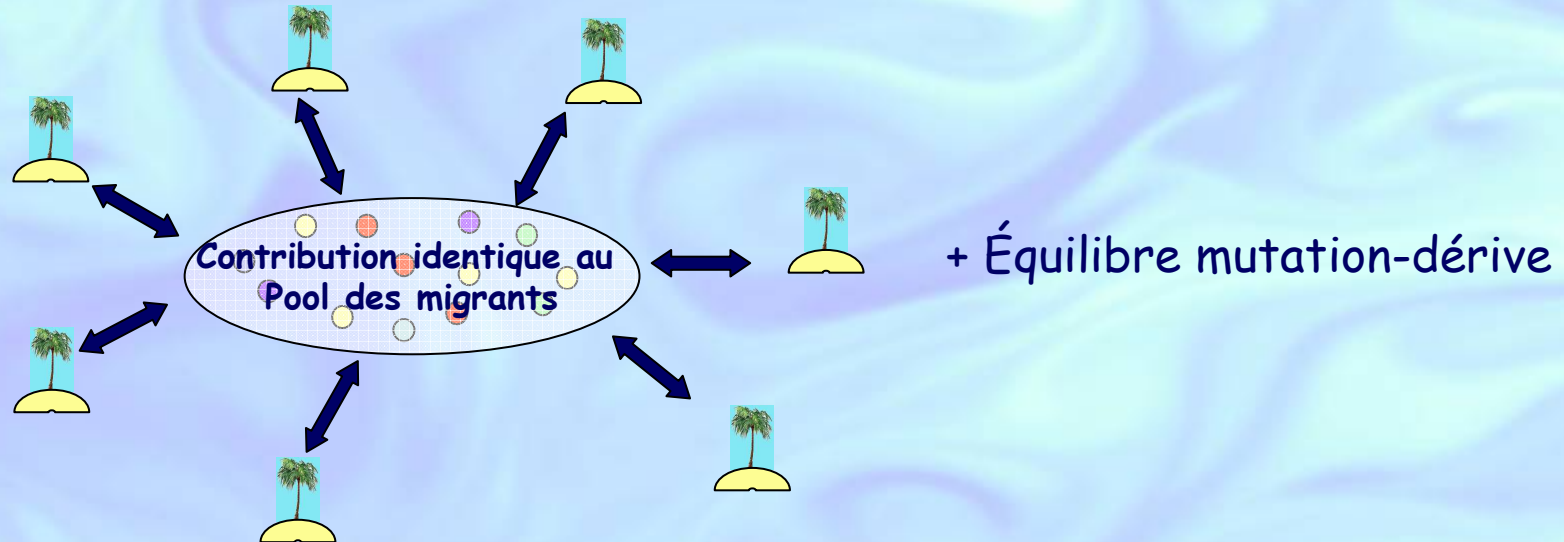
Flux de gènes nuls
 F_{ST} fort

Idée : utiliser le F_{ST} (facile à mesurer) pour estimer des caractéristiques liées à la dispersion (taux, distance moyenne...) (difficiles à mesurer)

Méthode : se doter d'un modèle permettant de lier explicitement F_{ST} et dispersion → inférences sur les paramètres de dispersion

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

1) Hypothèse d'un modèle en îles (Wright 1951)



Population de tailles constantes et identiques

Sous ces **hypothèses**, on peut inférer le *taux de migration par génération* via la relation :

$$F_{ST} \approx \frac{1}{1 + 4Nm}$$

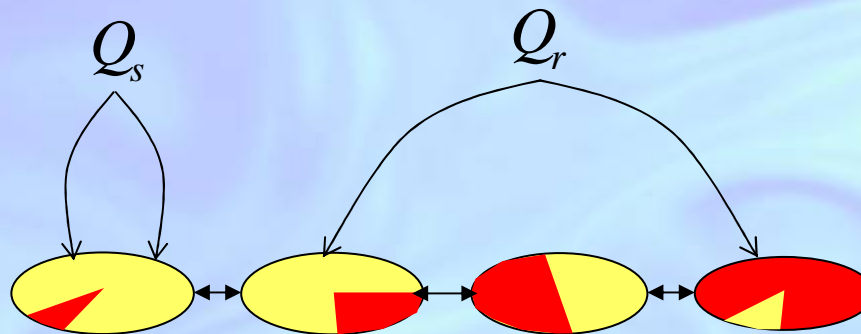
Problèmes : ces hypothèses sont souvent violées

- flux de gènes dépendant de la distance entre populations
- dynamique de colonisation récente
- ...

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

2) Modèle d'isolement par la distance (IBD; Wright 1943)

Du fait de la migration limitée dans l'espace, la probabilité d'identité entre gènes est plus forte à courte distance qu'à longue distance



Donc

$$F_{ST}(r) = \frac{Q_s - Q_r}{1 - Q_r}$$

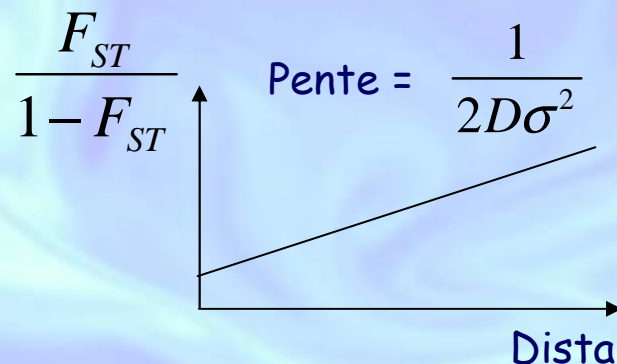
augmente avec la distance r entre pops

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

2) Modèle d'isolement par la distance (IBD; Wright 1943)

Ainsi, sous les hypothèses du modèle d'IBD, on peut inférer le carré de la distance moyenne de dispersion parents-descendants σ^2 (Rousset 1997) :

Dispersion en une dimension \longrightarrow en deux dimensions



$$\text{Pente} = \frac{1}{2\pi D\sigma^2}$$

NB : Pour des diploïdes, remplacer les 2 par des 4

Distance \longrightarrow Ln(Distance)

Existence d'un test pour détecter un IBD

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

Attention: une structure d'IBD peut être associée à d'autres processus que la dispersion.
L'estimation d'une distance (ou d'un taux) de dispersion n'a alors pas de sens.

Conditions nécessaires pour une estimation non biaisée sous l'hypothèse d'IBD

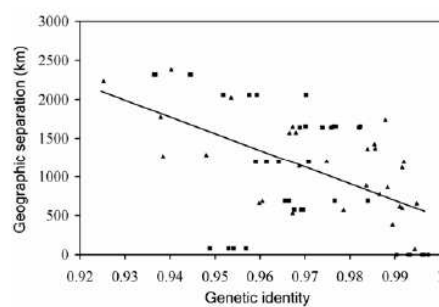
- Nombreuses populations réparties de façon homogène
- Faible hétérogénéité spatiale en termes de densité
- Effectifs stables (pas de dynamique de colonisation ou de régression, pas d'extinctions locales)
- Panmixie locale (problème de la définition des dèmes - existence de la clonalité)
- Pas d'hétérogénéité des pressions de sélection : effet de la plante hôte
- Relation linéaire vraie pour des distances comprises entre certaines limites fonction du σ

Existence de structure IBD chez les champignons phytopathogènes ?

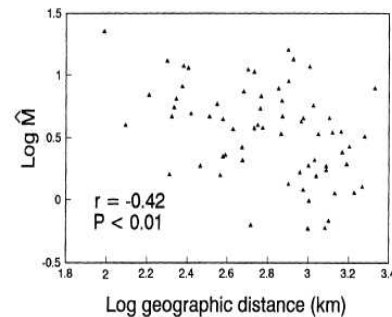
12 études (9 espèces) : 10.5 populations testées
8 structures IBD détectées



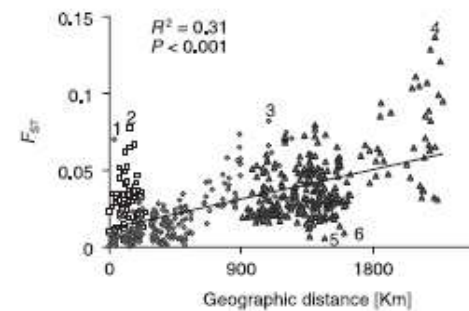
Pas de méthodes standardisées



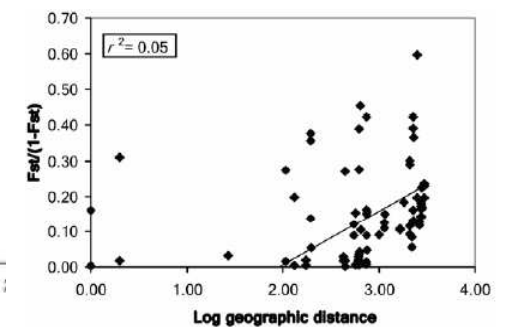
Schmale et al. 2006



Milgroom et al. 1996



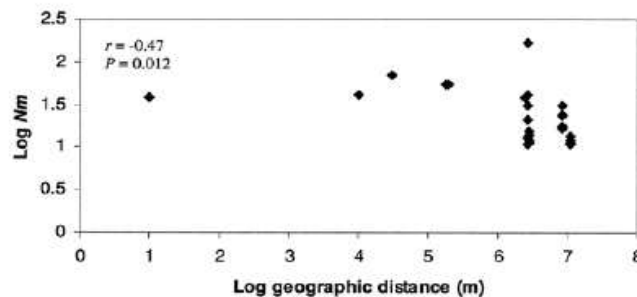
Gobbin et al. 2006



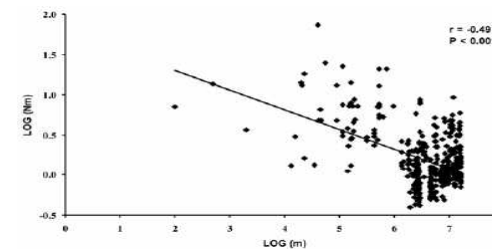
Hayden et al. 2007



Des questions sur les conditions d'applications



Linde et al. 2002



Zaffarano et al. 2006

En conclusion

Estimer des F_{ST} reste pertinent pour :

Identifier les types de structures génétiques et les associer à la biologie et l'histoire des populations

Mais

Les valeurs des indices de différenciations ou de pentes sont difficilement utilisables pour estimer des flux de gènes

Whitlock MC, McCauley DE (1999) Indirect measures of gene flow and migration: $F_{ST} \neq 1/(1+4Nm)$. *Heredity* **82**, 117-125.

Explorer les effets des écarts aux modèles sur les estimations

Bonne dispersion à tous !

